Fiche protocole : Logiciel Anagène

Anagène est un logiciel payant, permettant l'affichage, la comparaison et le traitement de séquences moléculaires (ADN, ARN et Protéines). La présente fiche est basée sur les versions 1.3 et 1.8 du logiciel.
Ce logiciel fait partie des logiciels dont l'utilisation peut être exigée à l'épreuve d'Evaluation des Capacités Expérimentales du baccalauréat S.

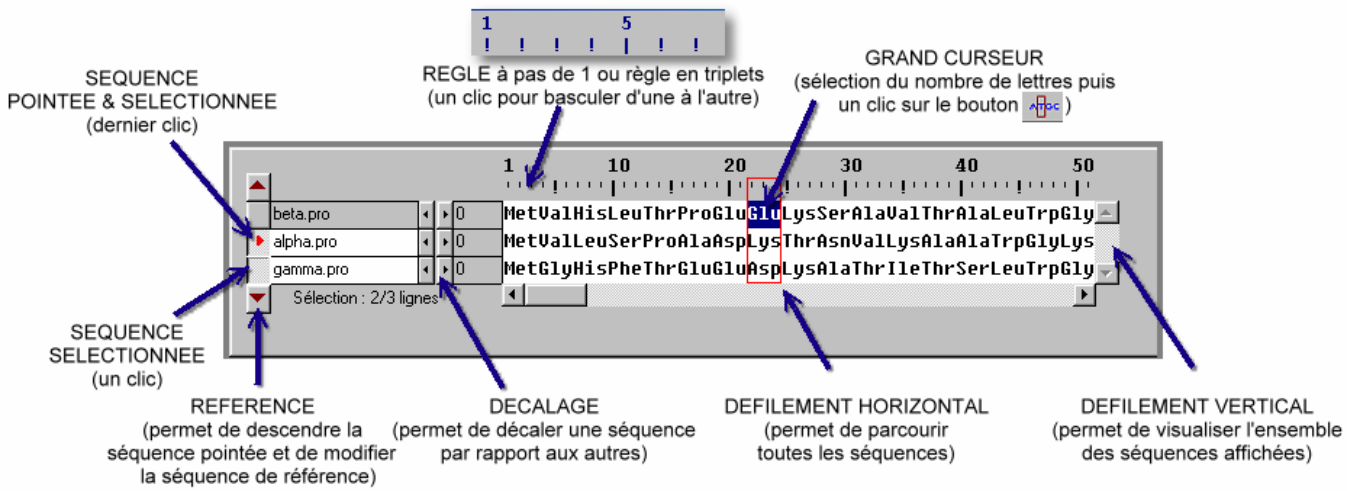
La barre d'outil : description

Accès aux ressources				Edition des sélections		Traitements des séquences			
	Banque de séquences		Accès au classeur		Couper		**Convertir** (transcription, traduction)		**Information sur l'objet pointé**
	Thèmes d'études		Enregistrer		Copier		**Comparer**		**Code génétique**
	Programmes & documents		Imprimer		Coller		Enzymes de restriction		Grand curseur
					Supprimer				Fermeture de toutes les fenêtres

Affichage de séquences – base de donnée du logiciel

Le logiciel dispose dans sa banque de séquence de nombreuses séquences. Il s'agit de séquences d'ADN (.adn), d'ARN (.arn), ou de protéines (.pro). Les thèmes d'étude regroupent plusieurs séquences et documents en un même fichier.
Il est possible de sélectionner plusieurs séquences en même temps, en utilisant les touches CTRL et MAJ.

L'affichage


SEQUENCE POINTEE & SELECTIONNEE (dernier clic)
REGLE à pas de 1 ou règle en triplets (un clic pour basculer d'une à l'autre)
GRAND CURSEUR (sélection du nombre de lettres puis un clic sur le bouton)
SEQUENCE SELECTIONNEE (un clic)
REFERENCE (permet de descendre la séquence pointée et de modifier la séquence de référence)
DECALAGE (permet de décaler une séquence par rapport aux autres)
DEFILEMENT HORIZONTAL (permet de parcourir toutes les séquences)
DEFILEMENT VERTICAL (permet de visualiser l'ensemble des séquences affichées)
beta.pro
alpha.pro
gamma.pro
Sélection : 2/3 lignes

Comparaison de séquences

En cliquant sur les carrés à gauche des séquences, il est possible de les sélectionner. La dernière séquence sélectionnée est celle « pointée ». C'est à cette séquence que seront ensuite comparées toutes les autres séquences sélectionnées.

Le bouton de comparaison permet ensuite de comparer les séquences sélectionnées. La comparaison simple est la plus rapide.
La comparaison avec discontinuité est plus longue, mais souvent plus efficace. Elle permet de gérer les séquences ne débutant pas toute au même niveau, par exemple.
Résultats :

- *et* * : identité _ : manque (rien au niveau de la séquence comparée)

Le résultat de comparaison est affiché dans une nouvelle fenêtre.

Traiter des séquences – code génétique

Anagène permet de convertir toutes les séquences.
ADN → ADN : pour obtenir les deux brins de la molécule d'ADN
ADN → ARNm : transcription
ARNm → ADN : rétrotranscription (ou transcription réverse)
ADN *ou* ARNm → Protéine : traduction

- soit traduction « simple », normale,
- soit « phases ouvertes de lecture », qui recherche les gènes possibles dans la séquence (recherche des codons d'initiation et des codons STOP)

Protéine → ADN *ou* ARN : affiche toutes les séquences possibles

Le logiciel permet aussi d'afficher le code génétique.

Digestion par des enzymes de restriction

Cette fonctionnalité du logiciel est utilisée en enseignement de spécialité SVT de Terminale S.

Sélectionner une ou plusieurs séquences d'ADN. Puis cliquer sur le bouton, et sélectionner la ou les enzymes à utiliser.
La représentation graphique indique les sites de restriction (en rouge).

IMPORTANT !

C'est LE bouton le plus important. Il permet d'obtenir des informations sur la séquence pointée. Après une comparaison de séquences, il permet d'afficher le bilan de la comparaison : nombre et pourcentage de différence, etc (penser à sélectionner toutes les séquences pour avoir un bilan complet ; attention, la comparaison est toujours faite par rapport à la première séquence).
Après digestion enzymatique, il permet d'avoir aussi les informations sur le résultat du traitement effectué.